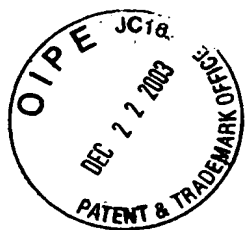


Replacement Sheet

Figure 1A

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

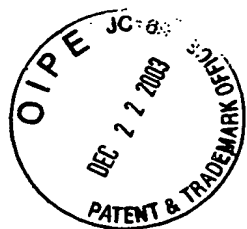
*	20	*	
Seqid1	:	ATGTCTAAGCCTACTTTGATAAAAAACAACC	: 30
Seqid3	:	: 30
	40	*	60
Seqid1	:	TTAATTTGTGCCTTAAGTGCATTGATGCTC	: 60
Seqid3	:	: 60
	*	80	*
Seqid1	:	AGTGGTTGTAGCAATCAAGCGGACAAAGCC	: 90
Seqid3	:	: 90
	100	*	120
Seqid1	:	GCCCAGCCAAAAAGCAGCACGGTAGACGCT	: 120
Seqid3	:	: 120
	*	140	*
Seqid1	:	GCCGCCAAGACAGCAAATGCAGATAATGCT	: 150
Seqid3	:	: 150
	160	*	180
Seqid1	:	GCCTCACAAGAACATCAAGGCGAGCTGCCT	: 180
Seqid3	:	: 180



Replacement Sheet

Figure 1B

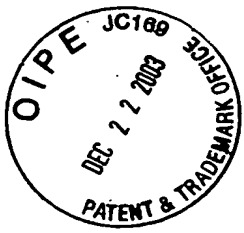
	*	200	*	
Seqid1	:	GTCATTGATGCCATTGTTACGCATGCACCA	:	210
Seqid3	:	:	210
		220	*	240
Seqid1	:	GAAGTTCCACCACCTGTTGACCGTGACCAC	:	240
Seqid3	:	:	240
	*	260	*	
Seqid1	:	CCCGCCAAAGTGGTGGTAAAAATGGAAACC	:	270
Seqid3	:	:	270
		280	*	300
Seqid1	:	GTTGAAAAAGTCATGCGTCTGGCAGATGGC	:	300
Seqid3	:	:	300
	*	320	*	
Seqid1	:	GTGGAATATCAGTTTTGGACATTTGGCGGT	:	330
Seqid3	:	:	330
		340	*	360
Seqid1	:	CAAGTTCCAGGGCAGATGATTCGTGTGCGT	:	360
Seqid3	:	:	360
	*	380	*	
Seqid1	:	GAAGGCGACACCATCGAAGTGCAGTTCTCA	:	390
Seqid3	:	:	390



Replacement Sheet

Figure 1C

	400	*	420	
Seqid1	:	AACCACCCAGATTCAAAAATGCCCCATAAT	:	420
Seqid3	:	:	420
		*	440	*
Seqid1	:	GTTGACTTTCACGCTGCCACAGGGCCTGGC	:	450
Seqid3	:	:	450
	460	*	480	
Seqid1	:	GGCGGGGCAGAAGCGTCATTACCGCACCG	:	480
Seqid3	:	:	480
		*	500	*
Seqid1	:	GGTCATACATCAACCTTTAGTTTTAAAGCC	:	510
Seqid3	:	:	510
	520	*	540	
Seqid1	:	TTACAGCCTGGTTTGTATGTCTATCACTGT	:	540
Seqid3	:	:	540
		*	560	*
Seqid1	:	GCGGTTGCCCCTGTTGGCATGCACATTGCT	:	570
Seqid3	:	:	570
	580	*	600	
Seqid1	:	AATGGCATGTATGGTTTGATTTTGGTTGAA	:	600
Seqid3	:	:	600



Replacement Sheet

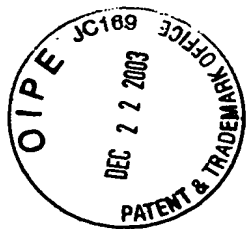
Figure 1D

	*	620	*
Seqid1	:	CCAAAAGAGGGCTTGCCAAAAGTAGATAAA	: 630
Seqid3	:	: 630
		640	* 660
Seqid1	:	GAATACTATGTCATGCAAGGCGACTTTTAT	: 660
Seqid3	:	: 660
	*	680	*
Seqid1	:	ACCAAAGGCAAATATGGCGAACAAGGTCTA	: 690
Seqid3	:	: 690
		700	* 720
Seqid1	:	CAGCCCTTTGATATGGAAAAAGCCATTCGA	: 720
Seqid3	:	: 720
	*	740	*
Seqid1	:	GAAGATGCTGAATATGTTGTCTTTAATGGT	: 750
Seqid3	:	: 750
		760	* 780
Seqid1	:	TCGGTGGGGGCGTTGACTGGTGAAAATGCT	: 780
Seqid3	:	: 780
	*	800	*
Seqid1	:	CTAAAAGCCAAGGTTGGCGAAACTGTTTCGC	: 810
Seqid3	:	: 810

```

          1000          *          1020
Seqid1  : TTGGTTGACCATGCCATCTTCCGTGCCTTT : 1020
Seqid3  : ..... : 1020

```



Replacement Sheet

Figure 1F

* 1040 *

Seqid1 : AACAAAGGGGCATTGGGCATACTTAAGGTG : 1050
Seqid3 : : 1050

1060 * 1080

Seqid1 : GAAGGTGAAGAAAATCATGAGATTTATTCA : 1080
Seqid3 : : 1080

* 1100 *

Seqid1 : CACAAACAAACAGACGCTGTCTATCTGCCA : 1110
Seqid3 : : 1110

1120 * 1140

Seqid1 : GAGGGTGCCCCACAAGCAATTGATACCCAA : 1140
Seqid3 : : 1140

* 1160 *

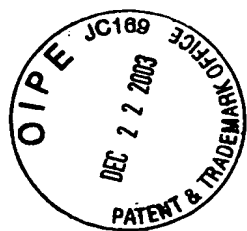
Seqid1 : GAAGCACCCAAAACACCTGCACCTGCCAAC : 1170
Seqid3 : : 1170

1180 * 1200

Seqid1 : TTACAAGAGCAGATTAAAGCAGGTAAGGCA : 1200
Seqid3 : : 1200

* 1220 *

Seqid1 : ACCTATGACTCTAACTGTGCTGCTTGTCAC : 1230
Seqid3 : : 1230



Replacement Sheet

Figure 1G

1240 * 1260
Seqid1 : CAACCTGATGGTAAAGGCGTGCCAAACGCT : 1260
Seqid3 : : 1260

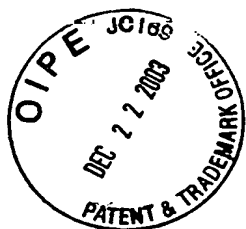
* 1280 *
Seqid1 : TTCCCACCGCTTGCCAACTCTGACTATCTG : 1290
Seqid3 : : 1290

1300 * 1320
Seqid1 : AACGCCGACCACGCTCGTGCCGCCAGCATC : 1320
Seqid3 : : 1320

* 1340 *
Seqid1 : GTGGCAAATGGATTGTCTGGTAAGATTACC : 1350
Seqid3 : : 1350

1360 * 1380
Seqid1 : GTCAATGGCAACCAATATGAAAGCGTCATG : 1380
Seqid3 : : 1380

* 1400 *
Seqid1 : CCTGCGATTGCTCTGAGCGACCAACAGATT : 1410
Seqid3 : : 1410



Replacement Sheet

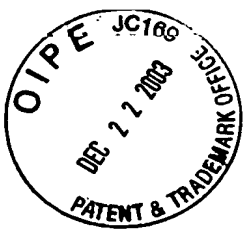
Figure 1H

1420 * 1440
Seqid1 : GCCAATGTCATCACCTACACGCTTAACAGC : 1440
Seqid3 : : 1440

* 1460 *
Seqid1 : TTTGGTAACAAAGGCGGTCAACTCAGTGCA : 1470
Seqid3 : : 1470

1480 * 1500
Seqid1 : GACGATGTGGCAAAAGCCAAAAAACAAG : 1500
Seqid3 : : 1500

Seqid1 : CCAAAGTGA : 1509
Seqid3 : : 1506



Replacement Sheet

Figure 2A

Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

Seqid2 : MSKPTLIKTTLICALSALMLSGCSNQADKA : 30

Seqid4 : : 30

40 * 60

Seqid2 : AQPKSSTVDAAAKTANADNAASQEHQGELP : 60

Seqid4 : : 60

* 80 *

Seqid2 : VIDAIVTHAPEVPPPVD RDHPAKVVVKMET : 90

Seqid4 : : 90

100 * 120

Seqid2 : VEKVMRLADGVEYQFWTFGGQVPGQMIRVR : 120

Seqid4 : : 120

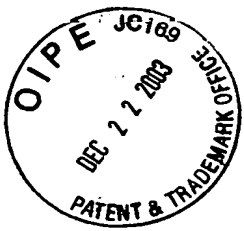
* 140 *

Seqid2 : EGDTIEVQFSNHPDSKMPHNVDFAATGPG : 150

Seqid4 : : 150

160 * 180

Seqid2 : GGAEASFTAPGHTSTFSFKALQPGLYVYHC : 180



Replacement Sheet

Figure 2B

Seqid4 : : 180

* 200 *

Seqid2 : AVAPVGMHIANGMYGLILVEPK EGLPKVDK : 210

Seqid4 : : 210

220 * 240

Seqid2 : EYYVMQGDFYTKGKYGEQGLQPFDMEKAIR : 240

Seqid4 : : 240

* 260 *

Seqid2 : EDAEYVVFNGSVGALTGENALKAKVGETVR : 270

Seqid4 : : 270

280 * 300

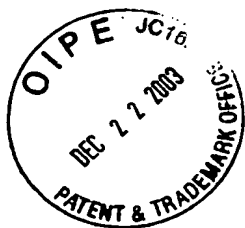
Seqid2 : LFVGNGGPNLTSSFHVIGEIFDKVHFEGGK : 300

Seqid4 : : 300

* 320 *

Seqid2 : GENHNIQTTLIPAGGAAITEFKVDVPGDYV : 330

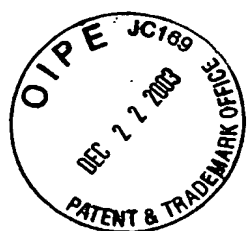
Seqid4 : : 330



Replacement Sheet

Figure 2C

	340	*	360
Seqid2	: LVDHAI FRAFNKGALGILKVEGEENHEIYS	:	360
Seqid4	:	:	360
	*	380	*
Seqid2	: HKQTDVYLPEGAPQAIDTQEAPKTPAPAN	:	390
Seqid4	:	:	390
	400	*	420
Seqid2	: LQEQIKAGKATYDSNCAACHQPDGKGV PNA	:	420
Seqid4	:	:	420
	*	440	*
Seqid2	: FPPLANS DYLNADHARAASIVANGLSGKIT	:	450
Seqid4	:	:	450
	460	*	480
Seqid2	: VNGNQYESVMPAIALSDQQIANVITYTLNS	:	480
Seqid4	:	:	480



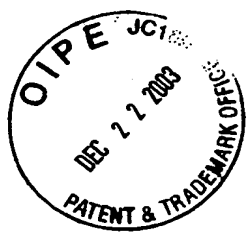
Replacement Sheet

Figure 2D

* 500

Seqid2 : FG NKGGQLSADDVAKAKKTKPN : 502

Seqid4 : : 502



Replacement Sheet

Figure 3-A

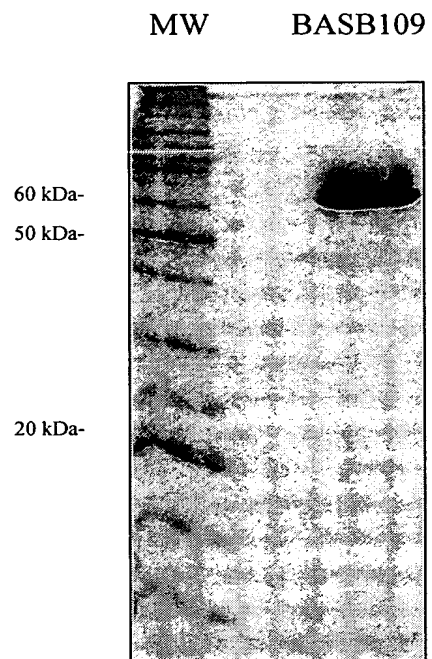


Fig. 3-B

